



TITLE:

3-11 分子生物学的解析によるニホンザル腸管寄生虫相の地域変異

AUTHOR(S):

藤田, 志歩; 佐藤, 宏

CITATION:

藤田, 志歩 ...[et al]. 3-11 分子生物学的解析によるニホンザル腸管寄生虫相の地域変異. 霊長類研究所年報 2010, 40: 132-133

ISSUE DATE:

2010-09-21

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/166797>

RIGHT:

なるハプロタイプを示した。

これらハプロタイプの違いを解析すると、遺伝的距離から美方や城崎の群れと篠山の群れ間で早い段階から隔離分断されていた可能性が考えられた。理由として、最終氷期に分断隔離された地域個体群に生じた分化が反映している可能性が、考えられた。しかし、過去の生息情報を考慮すると、古くから捕獲圧が高い地域が多く、群れの消滅も多いことから、別に捕獲の影響も原因と考えられる。今年度は、6つの群れに所属している成獣オス8頭のミトコンドリアDNAを分析したところ、第1可変域、第2可変域ともに所属していた群れの成獣メスと同じハプロタイプを示し、調査群間のオス移住の証拠は得られなかった。今後は、さらに、オスのサンプルのミトコンドリアDNAの分析を進めるとともに、地域個体群間での遺伝子の交流についてその他の遺伝子マーカー核遺伝子を用いて評価を進める予定である。

3-9 伊豆大島の外来マカク種に関する遺伝学的調査

佐伯真美、白井啓（野生動物保護管理事務所）

対応者：川本芳

本研究は東京都伊豆大島に生息するタイワンザルの基礎データを得ることを目的に、島内のタイワンザル個体群の遺伝学的集団構造について調査を行った。

伊豆大島には1939年から1945年にかけて島内の動物園から逸走し野生化したサルが生息しており、現在、島の中央を除くほぼ全域に群れが分布している。これまでの共同利用研究で、島内のタイワンザルのミトコンドリアDNA (mtDNA) Dループ第1可変域 (520塩基対) および第2可変域 (202塩基対) を解読し、それぞれ2つのハプロタイプ (A・B) を検出した。ハプロタイプの地理的分布状況には偏りが見られ、逸走元である動物園を境にAタイプは時計回りに、Bタイプは半時計回りに分布拡大したように観測された。

今年度の研究では、有害駆除や学術捕獲で得られた約100個体のDNAサンプルを用いて常染色体マイクロサテライト11遺伝子座、Y染色体マイクロサテライト3遺伝子座の解析を行った。常染色体マイクロサテライト11遺伝子座は全て多型性を示し、計44個の対立遺伝子が検出された (平均4個)。全遺伝子座において有意水準5%でハーディ・ワインベルグ平衡が成立した。mtDNA ハプロタイプでは地理的分化が見られたが、常染色体遺伝子の結果では島内に分集団化は見られず、大島個体群はひとつの繁殖単位である可能性が示唆された。またY染色体マイクロサテライト3遺伝子座の解析の結果、2つのハプロタイプを検出した。2タイプの

地理的な出現頻度に有意な差は見られなかった。今後はサンプル数を増やし、島個体群の連鎖不平衡やボトルネックの兆候について研究したい。

3-10 静岡県愛鷹地域に生息するニホンザルの遺伝的多様性・地域分化及び保全

大橋正孝（静岡県森林・林業研究センター）

対応者：川本芳

静岡県愛鷹地域のニホンザルについて、周辺地域からの分化、孤立状況を定量化することを目的に、有害捕獲などにより得られた55個体 (うち愛鷹地域4個体) について、ミトコンドリアDNAのDループ第1可変領域512塩基対の配列を調べた。この結果に昨年度の15個体 (うち愛鷹地域9個体) 分の結果を加え、Clustalx2.0.10で配列の比較を行い、遺伝距離に基づきNJ法によりnjplotを用いて類似図を作成した。

その結果、大きくは、南アルプス・愛鷹地域と伊豆地域の2つに区分され、22 (うち県内は20) のハプロタイプが存在した。

また、同じ試料のうちオス31個体 (うち愛鷹地域4個体) については、オスの拡散を介した地域個体群の遺伝子交流を反映していると考えられるY染色体遺伝子について、川本により個体変異が確認されている3つの遺伝子座について分析を行ったところ、3座位の多型の組み合わせから11タイプが確認された。

今後は試料を充実させ、マイクロサテライト遺伝子についても分析を行い、オスの遺伝子交流から多様性や地域分化について明らかにする。

3-11 分子生物学的解析によるニホンザル腸管寄生虫相の地域変異

藤田志歩、佐藤宏（山口大・農）

対応者：川本芳

野生ニホンザルから検出される腸管寄生虫相の構成および各寄生虫の検出率は、地域変異がみとめられることがこれまでに報告されている。しかし、糞線虫、鞭虫、蟯虫、旋尾線虫類といった腸管寄生虫の一部は形態的鑑別が難しいため、従来の方法では類縁の種が混在する可能性も指摘されているため (Satoh et al., 2005)、このような地域変異については再検討する必要があると考えられる。本研究は、あらたに開発した分子生物学的手法を用いて、各地域の野生ニホンザルに感染する腸管寄生虫の種鑑別を行うとともに、種内変異についても調べ、ニホンザルの生息環境と腸管寄生虫相との関連について明らかにすることを目的とした。材料は、青森県下

北半島、宮城県金華山島および鹿児島県屋久島において、野生ニホンザルから新鮮便を採取し、従来の方法により虫卵を分離した。また、糞便を培養して幼虫を得た。さらに、自然死亡個体および交通事故死亡個体の腸管から虫体を採取した。得られた寄生虫のうち、とくに鞭虫について、18S rDNA の配列による分子遺伝学的解析を行った。その結果、鞭虫については少なくとも2種類のタイプが見つかり、地域特異的な種内変異があることが示唆された。ニホンザルから検出される腸管寄生虫について、地域特異的な種内変異が明らかになったのは本研究が初めてであり、今後、同地域に生息する他の動物種の寄生虫のタイプと比較して、自然環境下での伝播経路について明らかにするとともに、近縁寄生虫種の遺伝学的情報を収集して、宿主と寄生虫との共生関係についても調べる予定である。また、今回検出された鞭虫以外の種 (*Streptopharagus pigmentatus*, *Strongyloides fulleborni*, *Bertiella studeri*, *Oesophagostum aculeatum* など) についても、種内変異の検出に有用な遺伝子マーカーを用いて、現在分析を進めている。

3-12 ニホンザル屋久島個体群の保全生態学的研究と遺伝学的研究

早石周平 (琉球大・教育センター)

対応者：川本芳

鹿児島県屋久島に生息する野生ニホンザルの保全を目的として、有害捕獲されるニホンザルの捕獲実績について、関係官庁から提供を受けた行政区ごとの捕獲統計資料が五か年分となり、全島で被害状況に応じた捕獲状況が分かってきた。この資料に基づき、先に行ってきた流域ごとの個体群存続可能性分析の結果と照らし合わせて、行政区ごとに電気柵等の設備の設置・管理、または追払いの対策を関係官庁に提言するために分析を進めている。有害捕獲に関わる予算、従事者負担を軽減するとともに、屋久島個体群を保全するうえで局所的に高い捕獲圧を避けることも目的である。

捕獲個体の組織片を地元猟友会から提供してもらい、地域的に偏りのない試料収集を続けている。これらの試料については、遺伝的な性判別を行い、ミトコンドリア DNA の D-loop 領域の第1可変域と第2可変域、オス由来試料についてはさらに Y 染色体のマイクロサテライト分析を行う準備を進め、昨年度までに得られたミトコンドリア8ハプロタイプ、Y染色体マイクロサテライト5ハプロタイプとあわせて、地理的な遺伝的交流について分析を進める予定である。遺伝的交流を解明し、オスの分散を含めて、全島での個体群保全策を検討して

いる。

3-13 中部山岳地域に生息するニホンザルのミトコンドリア DNA 変異

赤座久明 (富山県自然保護課)

対応者：川本芳

過去の共同利用研究で、富山、新潟、長野、岐阜の中部4県の山岳地域に生息するニホンザルの群れから、ミトコンドリア DNA の D ループ第2可変域(412塩基対)について、6タイプの塩基配列の変異を検出した。石川県白山山麓に生息するニホンザルの群れのミトコンドリア DNA タイプについては、群れを対象にした分析資料が無く、上記4県の群れとの類縁関係の詳細は不明であった。そこで、群れの生息域として知られている、石川県手取川上流域の一里野と中宮温泉周辺で採集した19個の糞を試料として分析した。分析の結果、第2可変域については、19個の試料すべてから、近畿地方から北陸地方にかけて広く分布している JN21 タイプを検出した。更にこの試料を用いて第1可変域(575塩基対)を対象にして分析したところ、2つのハプロタイプを検出した。19個の試料のうち18個が同じタイプ、1個が別のタイプであったが、両方タイプともこれまで他の地域で検出されることが無いハプロタイプである。近畿、中部地方の日本海側に分布する JN21 タイプと近縁関係にある群れの分布が示唆された。

4-1 現生および化石コロボス類における進化形態学的研究

小藪大輔 (東京大・院・理学系)

対応者：高井正成

コロボス亜科霊長類の顔面頭蓋には顕著な種間形態変異が存在することが知られてきたが、その形態学的多様性の適応的意義は十分に解明されてこなかった。一方、近年の生態学的研究の進展によってコロボス亜科の食性は種間で顕著に変異することが明らかになってきた。そこで、我々はコロボス亜科の顔面頭蓋における形態変異と食性変異のパターンを検討し、形態変異は食性に対する適応進化を反映するかを検証した。接触型三次元形状デジタイザーを用いて取得されたデータから各種の頭骨の三次元モデルを構築し、幾何学的形態測定法を用いて、霊長類において頭骨が系統発生的、進化生態学的文脈のなかでどのように多様化してきたのかを定量的に記述しつつある。さらに、機能形態学的な観点からコロボス亜科およびテナガザル科の三次元的咀嚼運動および咀嚼力の種間変異を定量的に解析し、系統発